

2009 年春から流行のインフルエンザ A (H1N1) の日本での感染者は、兵庫県と大阪府に集中した。独立行政法人製品評価技術基盤機構と国立感染症研究所は、両府県で分離されたウイルス 9 株 (兵庫県 5 株、大阪府 4 株) の全遺伝子塩基配列の解読を行った。両府県での感染はほぼ同じウイルスに由来し、また、抗インフルエンザ薬のタミフルおよびリレンザへの耐性を生じる遺伝子変異を持たないことがわかった。一方、成田空港で検出された海外帰国感染者からのウイルス株は、初期のメキシコや米国南部から広がった系統であり、兵庫・大阪の 9 株とは異なることがわかった。両機関は今後も世界保健機構と連携して、ウイルスの遺伝子変化を注意深く監視する。

トピックス / 国内患者由来のインフルエンザウイルス A (H1N1) 遺伝子配列の解読

2009 年春から流行の新型インフルエンザ A (H1N1) は 4 月にメキシコで発生が確認されてから、瞬くうちに世界中に広がった。世界保健機構 (WHO) は、2009 年 6 月 11 日に世界的大流行であると宣言し、その後も感染者は増加している。2009 年 7 月 1 日現在、世界 120 カ国で 7 万 7,201 例 (確定例) が報告されており、米国 (27,717 例)、メキシコ (8,680 例)、カナダ (7,983 例)、英国 (6,538 例)、およびオーストラリア (4,090 例) に感染者が集中している。

我が国においては新型インフルエンザの感染確定者数は、2009 年 7 月 3 日現在で 1,502 例である (厚生労働省の報告による)。44 都府県で感染者が報告されているが、兵庫県 244 例、大阪府 225 例が突出して多く、次いで愛知県 156 例、東京都 145 例である。一方、26 県が 10 例以下の報告にとどまっている。このような発生の地域差、特に兵庫県と大阪府の集団感染において、疫学的な関連性 (感染源・感染経路など) が不明であった。

2009 年 5 月 29 日に、独立行政法人製品評価技術基盤機構と国立感染症研究所は、5 月 16 日から 17 日にかけて関西地域 (兵庫県および大阪府) で分離した新型インフルエンザウイルス 9 株の全遺伝子塩基配列を解読したことを発表した¹⁾。その内訳は、5 株が兵庫県の集団感染の患者から、4 株が大阪府の患者から分離されたものである。

塩基配列を解読した結果、約 1 万 3 千個の塩基から構成されるウイルス遺伝子のうち、ウイルス 9 株における違いは最大で 4 塩基であることが示された。このことは、兵庫県と大阪府の集団感染はほぼ同一のウ

ルスに由来するものであることを示し、両府県の感染は、同一の感染者から広がったものか、同じ時期に同じ地域由来のウイルスがそれぞれの府県に流入したものであると考えられる。

また、これらの 9 株は全て、抗インフルエンザ薬のオセルタミビル (商品名: タミフル) およびザナミビル (商品名: リレンザ) への耐性を生じる遺伝子変異を持っていないことがわかった。これらの薬剤が今回の新型インフルエンザに有効であるという臨床所見を遺伝子解析によって裏付けたと言える。

両機関は、これまでに、成田空港での検疫を通じて海外帰国者から分離された新型インフルエンザウイルス 1 株 (成田検疫株) の全遺伝子塩基配列を解読している²⁾。加えて、成田検疫株と今回の兵庫・大阪の 9 株、および海外で既に全遺伝子塩基配列が解読された 37 株、計 47 株の遺伝子の比較をし、ウイルスの分子系統学的解析を行った。その結果、これらのウイルス株は、初期にメキシコや米国南部から感染が広がったと考えられる系統と、4 月下旬に米国東部とカナダで集団感染を引き起こした系統の、大きく 2 つの系統に分かれることがわかった。兵庫・大阪株は、2 つの系統の中間的な系統に属すると推定され、メキシコ・米国南部系統に含まれる成田検疫株とは、由来が異なることが確認された。今後も両機関は遺伝子の解読を継続し、これらのウイルスがどのように変化していくかを、WHO と連携して注意深く監視する。

なお、今回の遺伝子解読の結果は国際塩基配列データベースに登録済みであり³⁾、遺伝子解読の手法も公開している⁴⁾。

参 考

- 1) (独)製品評価技術基盤機構 プレスリリース (2009 年 5 月 29 日)
<http://www.bio.nite.go.jp/release/press20090529flu.html>
- 2) (独)製品評価技術基盤機構 プレスリリース (2009 年 5 月 20 日)
<http://www.bio.nite.go.jp/release/press20090520flu.html>
- 3) Influenza Virus Resource (NCBI) <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genomes/FLU/SwineFlu.html>
- 4) 新型インフルエンザのシーケンスプライマーおよびプロトコル
http://www.bio.nite.go.jp/ngac/flu_sequence_protocol.pdf